



Aalborg Universitet

AALBORG UNIVERSITY
DENMARK

Kapitel I-4 Taksonomien efter Darwin

Arler, Finn

Published in:
Biodiversitet. Videnskab Kultur Etik I-II

Publication date:
2009

Document Version
Også kaldet Forlagets PDF

[Link to publication from Aalborg University](#)

Citation for published version (APA):

Arler, F. (2009). Kapitel I-4 Taksonomien efter Darwin. I F. Arler (red.), *Biodiversitet. Videnskab Kultur Etik I-II* (Bind 1, s. 107-133). Aalborg Universitetsforlag.

General rights

Copyright and moral rights for the publications made accessible in the public portal are retained by the authors and/or other copyright owners and it is a condition of accessing publications that users recognise and abide by the legal requirements associated with these rights.

- Users may download and print one copy of any publication from the public portal for the purpose of private study or research.
- You may not further distribute the material or use it for any profit-making activity or commercial gain
- You may freely distribute the URL identifying the publication in the public portal -

Take down policy

If you believe that this document breaches copyright please contact us at vbn@aub.aau.dk providing details, and we will remove access to the work immediately and investigate your claim.

Taksonomien efter Darwin

Forestillingen om et færdigt og overskueligt synkront system holdt ikke længe, selvom mange fastholdt perspektivet lang tid efter, at det var undergravet. Klassifikationen kompliceredes af mange grunde. Stadigt flere arter og artsgrupper blev inddraget. Strømmen af ukendte organismer fra oversøiske lande fortsatte med uformindsket styrke, og hidtil ukendte hjemlige arter blev fundet frem af naturhistoriske *amateur gentlemen*. Indførelse af ny teknologi gjorde sit til at materialet voksede. Ikke mindst mikroskopet fik en central betydning; små organismer og små forskelle dermed blev pludselig synlige. Med den voksende mængde af organismer voksede samtidig erkendelsen af uordenen i naturens system. Alle forventninger om en endegyldig kortlægning i et logisk og symmetrisk ordnet synkront system brød sammen.

Der var med Ernst Mayrs ord opstået et forklaringsmæssigt tomrum, som først Darwin kunne udfylde med sin evolutionsteori.¹ I stedet for at kortlægge den skabte biologiske verden som et synkront system blev sigtet omfortolket til en kortlægning af selve skabelsesforløbet med alle dets forbigående skabninger i et diakront eller genealogisk system. Det er de former for taksonomi, der fulgte heraf, som skal optage os i dette kapitel.

Lamarck var den første, der angav det som taksonomiens hovedformål at lade naturens udviklingsgang afspejle sig i et genealogisk system. Samtidig gjorde han opmærksom på, at der er to hensyn at tage, når man forsøger at lave

¹ Ernst Mayr: *The Growth of Biological Thought*, Cambridge Mass.: Harvard University Press 1982, p. 209.

en taksonomi. På den ene side har vi en teoretisk eller filosofisk interesse i at få kortlagt den historiske eller kronologiske udvikling. Formålet med denne "almene opdeling" eller systematikken, er at fremstille "naturens egen orden" og vise, hvordan evolutionen er forløbet fra de laveste former til de højeste. På den anden side er der en praktisk eller "økonomisk" interesse i bekvemme optegnelser for praktikere, der søger overskuelige og let tilgængelige opdelinger. Formålet med "klassifikationen" er at skabe et sådant opslagsregister.²

Det grundlæggende spørgsmål er, om taksonomiens primære opgave er at kortlægge den evolutionære udvikling i alle detaljer, uanset eventuelle tab af overskuelighed eller om det er at opstille et bekvemt klassifikatorisk system til glæde for praktikere. I det første tilfælde kan der ikke gås på kompromis med genealogien. I det andet tilfælde vil den evolutionære udvikling kun delvist kunne aflæses, da mange detaljer må springes over af hensyn til overskueligheden. Da der kun er et begrænset antal trin i klassifikations-hierarkiet, kan det ikke forventes, at de to formål kan forenes i ét og samme system.

Darwin

Grundlæggeren af den moderne taksonomi er ikke Lamarck, men Charles Darwin. Darwin er dog helt på linie med Lamarck i understregningen af den tvetydighed, som anerkendelsen af den evolutionære forandringsproces medfører for taksonomien. Mange af de hensigter og dilemmaer, som har præget den moderne diskussion, formuleres i det næstsidste kapitel af afhandlingen om arternes oprindelse. Kapitlet indleder med at bekræfte gyldigheden af mange af de livsformsopdelinger, som er fremstillet i folkelige taksonomier verden over: "Lige fra de tidligste Tider har de organiske Væsener lignet hinanden i stadig aftagende Grad, saaledes at de kan ordnes i Grupper og Undergrupper." Klassifikationerne er ikke vilkårlige på samme måde som stjernernes fordeling på stjernebilleder.³ Tværtimod er de både logiske og forklarlige.

Den reelle baggrund er nemlig, at et begrænset antal arter har været tidligt ude eller relativt tidligt har haft nogle væsentlige fordele frem for deres konkurrenter, og at de derfor som type betragtet med tiden er blevet stand til at fylde meget i det samlede billede. De modificerede efterkommere af disse "herskende Arter" har arvet fordele, som har gjort det muligt for dem at erobre et stort antal pladser i "Naturens Husholdning." De herskende grupper er vokset kontinuerligt og har enten udkonkurreret svagere grupper eller forhindret dem i at opstå. Kun på den måde kan man forklare, at alle organismer er samlet i få

² Jean-Baptiste de Lamarck: *Zoologische Philosophie* (1809), Leipzig: Akademische Verlagsgesellschaft Geest & Portig K.-G. 1990, Teil 1, p. 113.

³ Charles Darwin: *On the origin of species by means of natural selection, or the preservation of favoured races in the struggle for life*, London: Murray 1859. Jeg citerer fra: *Arternes Oprindelse ved Kvalitetsvalg eller ved de heldigst stillede Formers Sejr i Kampen for Tilværelsen*, (oversætt. J.P. Jacobsen efter 5. udg.), København: Gyldendalske Boghandel, Nordisk Forlag 1909², p. 417.

store ordener og endnu færre klasser. Hvor stor magt relativt få grupper har formålet at tilrane sig, kan aflæses af, at opdagelsen af det relativt isolerede Australien ikke tilføjede den kendte insektverdenen som meget som en enkelt ny klasse, mens der i planteriget kun dukkede få nye familier op.⁴ Tendensen hos store grupper til at blive større på de svageres bekostning og til at blive stadigt mere internt differentierede forklarer, hvorfor livets mange former kan ordnes indenfor få store klasser. Utilpassede grupperes uddøen forklarer samtidig tilstedeværelsen af mellemrum mellem store livsformsgrupper og mellem grupper indenfor den enkelte livsform.

Klassen af fugle ser f.eks. meget integreret ud med mange fælles træk, og fremstår som markant adskilt fra andre grupper af dyr. Dens tidligere forfædre har dog været forbundne med tidlige stamformer til andre og på den tid mindre differentierede grupper af hvirveldyr gennem livsformer, som senere er forsvundet. Kun mellemrummet er blevet tilbage. Andre steder har udslettelsen været mindre markant, hvorfor grænselinierne fortsat tager sig mere uldne ud. F.eks. kan man se en næsten ubrudt kontinuitet mellem de ellers meget forskelligartede typer af krebsdyr. Resultatet er opfattet af størsteparten af de klassificerende naturforskere, der har følt sig sikre på, at i hvert fald hovedparten af arterne var optegnet korrekt i et naturligt system. Blot har ingen af dem tilstrækkeligt klart indset, at det kun kan forklares evolutionært, og er ubegribeligt efter skabelsesteorien – ikke mindst hvis denne kobles sammen med den udbredte antagelse om kontinuitet i tilværelsesskæden.

Hvad gør man da, når man ordner arter, slægter og familier i et naturligt system? Nogle betragter det som sagt som en nyttig skematik, der sammenbringer organismer, der ligner hinanden, og adskiller dem, som er mest forskellige. Andre lægger dog mere i systemet end en pragmatisk opgørelse, når de kræver, at systemet skal sigte efter at være en aftegning af Skaberens oprindelige plan. Disse folk har ret i, at der er mere i systemet end en pragmatisk opgørelse. Fejlen er, at de har søgt en orden i rum, men overset muligheden af en orden i tid. Ordenen kan kun forstås ved at inddrage den tidslige dimension. Alle vanskelighederne ved at forstå det naturlige system udspringer af, at man har ledt efter et synkront system, hvor det naturlige system er baseret på ”Afstamning ledsaget af Modifikation.” Den fælles oprindelse er det skjulte bindeled, naturhistorikerne ubevidst har søgt efter, når de talte om skabelsesplan.⁵

Konsekvensen er at ”al sand Klassifikation er genealogisk.” Pointen gentages i det afsluttende kapitel. Det ”naturlige System” er et ”genealogisk Arrangement.” Systematikken skal fremstille de historiske udviklingslinier, så det fremgår, hvorfra den enkelte organismegruppe stammer. Samtidig tilføjer Darwin imidlertid, at ”den Forskellighed, der er naaet,” fortsat kan betegnes med udtryk som ”Varietet, Art, Slægt, Familie o.s.v.”⁶ Brugen af kategorier (eller

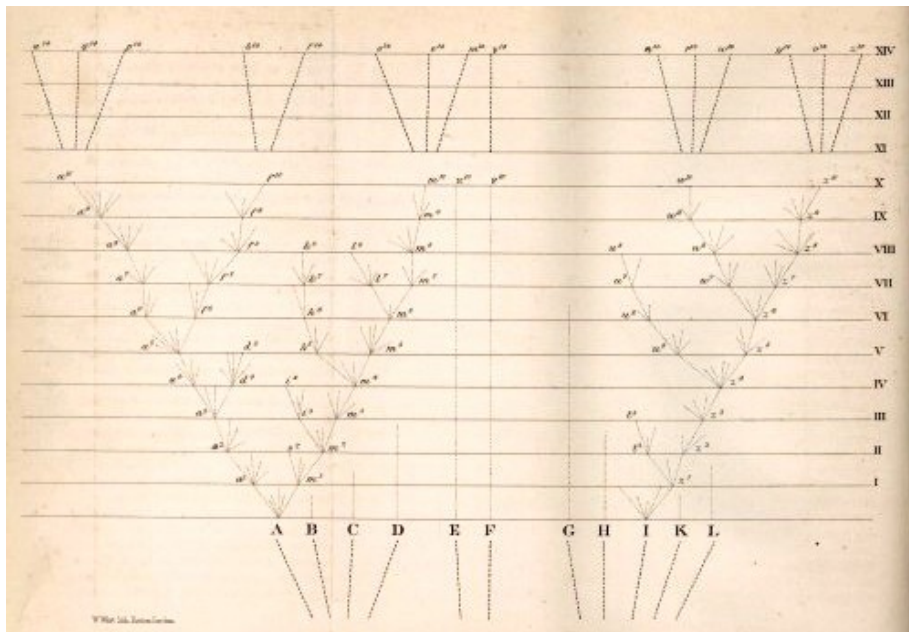
⁴ Darwin (1909), pp. 433ff og 472.

⁵ Darwin (1909), pp. 419ff.

⁶ Darwin (1909), pp. 480.

kategoriale niveauer) skal sikre, at klassifikationen ikke blot fremstiller genealogiske forhold, men også afspejler forskellige grader af karaktermæssigt sammenfald. Det Linnéske system forventedes på den måde videreført med den væsentlige tilføjelse, at genealogien i grundtrækkene skal være på plads. Der må skelnes skarpt mellem ægte slægtskaber med fælles arvegods og funktionelle slægtskaber baseret på blot "adaptive eller analoge Karakterer."

Darwin uddyber sit synspunkt med følgende bemærkning, der rammer midt ind i moderne klassifikations mest centrale stridspunkt: "Jeg tror, at Anordningen af Grupperne [*the arrangement of the groups*] indenfor hver Klasse, baade i deres Underordning under hinanden og deres Sideordning i Forhold til hinanden, maa være strengt genealogisk for at være naturlig; men at Beløbet af Forskellighed [*the amount of difference*] i de forskellige Afdelinger eller Grupper, endskønt de alle er lige kødeligt beslægtede med deres fælles Ophav, kan afvige betydeligt, idet det skyldes de forskellige Grader af Modifikation, de har gennemgaaet, og dette udtrykkes ved, at Formerne ordnes under forskellige Slægter, Familier, Sektioner eller Ordener."⁷



Figur 4.1. Den eneste figur i Darwins *Origin of Species* skal vise dobbeltheden af genealogisk og fænetisk tilgang. Figuren er dog ikke særlig gennemskuelig.

På den ene side skal klassifikationen være strengt genealogisk og nøje afspejle "kødelige" slægtskabsforhold. Analoge eller adaptive ligheder bør ikke lægges til grund for klassifikationen. Kødelige slægtskaber må ikke sammen-

⁷ Darwin (1909), p. 425.

blandes med funktionelle.⁸ På den anden side skal klassifikationen også afspejle de morfologiske, anatomiske, fysiologiske og adfærdsmæssige ligheder og forskelle. Når man opdeler arterne i grupper, bør man ikke blot se på genealogiske relationer men også tage hensyn til, hvor store modifikationer der har fundet sted.⁹ Darwin ender således med at argumentere for en løsning, der er et kompromis mellem den rene genealogi og det fænetiske hierarki, vi finder hos bl.a. Aristoteles og Linné. Genealogien skal være i orden i den forstand, at alle medlemmer af en enkelt artsgruppe skal have fælles stamfader. I den henseende kan der ikke gås på kompromis. Derimod vil opgørelsen af artsgrupperne i et overskueligt hierarki med et forholdsvis begrænset antal kategoriale niveauer uvægerligt sløre den evolutionære udvikling.

Som sagt er dette ét af de problemer, der har givet anledning til størst uenighed, ikke mindst i de seneste tiårs diskussion. Inden jeg giver et kort rids af nogle af skillelinierne her, finder jeg det værd at nævne en enkelt pointe.¹⁰ Imod hele traditionen fra Aristoteles over Cesalpino til Cuvier skriver Darwin, at det afgørende ved klassifikationsprocessen ikke er ligheder i de mest basale funktionelle træk. Lighederne kan netop her være udtryk for en ensartethed med hensyn til nogle sent udviklede adaptive træk. Slægtskab røbes snarere gennem træk, som er stabile, fordi de ikke er væsentlige, og derfor ikke udsættes for selektionspres. Jo mindre væsentlig en del er, desto vigtigere vil den være for klassifikationen. Rudimentære organer kan derfor være vigtigst af alle.

Da levemåderne og dermed også hele organisationens opbygning ændres over tid, vil det ofte ikke være muligt at angive funktionelt basale fællestræk blandt større grupper af organismer. Hos fuglene kan man ganske vist finde fælles træk hele vejen igennem. Hos krebsdyrene er forskelligheden derimod så stor, at de arter der befinder sig i hver sin ende af skalaen, ikke kan siges at have blot et enkelt træk til fælles. Ikke desto mindre kan man, når man bevæger sig fra den ene til den næste, for hvert led påvise beslægtetheden.

Taksonomien må være genealogisk, konkluderer Darwin, og lade det kødelige slægtskab gå forud for det funktionelle. Man skal ikke søge efter grundtyper med væsenstræk, men efter karaktertræk, der, hvad enten de er væsentlige eller ej, kan berette om den evolutionære proces. Som sagt så han det dog samtidig som en nødvendighed, at klassifikationen af den artslige diversitet tillige tager hensyn til "Beløbet af Forskellighed," når de enkelte artsgrupper blev optegnet og placeret i hierarkiet. At denne kombination ikke er en simpel sag, vil blive klart i det følgende.

⁸ Darwin (1909), p. 430.

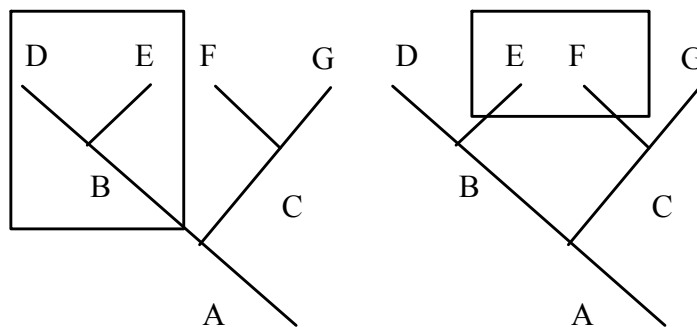
⁹ Michael Ghiselin har flere steder gjort opmærksom på, at Darwin andre steder pointerede det fylogenetiske aspekt stærkere end i *Origin of Species*, og plæderede for en klassifikation, der var strengt genealogisk, selvom det blev på bekostning af omtægnelsen af fænetiske forskelligheder (jf. bl.a. "Mayr and Bock versus Darwin on genealogical classification," in: *J. Zool. Syst. Evol. Research* 42, 2004: pp. 165-169).

¹⁰ Darwin (1909), p. 420ff.

Evolutionær taksonomi

Darwins understregning af, at klassifikationen må afspejle de genealogiske relationer, førte ikke uden videre til en revolution indenfor systematikken. Selvom Ernst Haeckel og andre hurtigt tog tråden op, var hovedparten af taksonomerne fortsat orienteret mod den typologisk-morfologiske taksonomi i traditionen fra Linné-Jussieu-de Candolle på botanikkens område og Cuvier-Owen på zoologi-ens. Selv taksonomer, der accepterede Darwins teori, fortsatte med den ikke-genealogiske systematik ud fra den antagelse, at optegnelsen af det evolutionære forløb kunne betragtes som en spekulativ overbygning på det traditionelt opbyggede taksonomiske system.¹¹

Først efter den neodarwinistiske syntese i første halvdel af det 20. århundrede blev den centrale ambition at lade klassifikationen afspejle genealogien. Den "naturlige" klassifikation måtte vise det forhold, at en given gruppes medlemmer har haft en fælles stamfader – at den enkelte gruppe, med Ernst Haeckels betegnelse, er "monofyletisk." "Polyfyletiske" grupper, dvs. grupper med mange ensartede træk, men med forskellig afstamning, blev bandlyst.



Figur 4.2. Monofyletisk og polyfyletisk gruppe.

Pointen kan illustreres med *Figur 4.2*. Arterne D, E, F og G er nært beslægtede og ligner hinanden. Gruppen med de to nulevende arter D og E i den venstre del af figuren er monofyletisk, eftersom både D og E er udsprunget af stamarten B. Gruppen EF i den højre del af figuren er polyfyletisk, da E og F er udsprunget af forskellige evolutionære linier. Der vil kun være tale om monofyli, når D og E klassificeres sammen, eller hvis også D og G indlemmes i en større samlet gruppe, hvis medlemmer alle udspringer af arten A.

Den evolutionært orienterede taksonomi, der blev udviklet med den neodarwinistiske syntese, har i kølvandet på Darwin bestræbt sig på at opretholde et rimeligt kompromis mellem den rene genealogi og det Linnéske hierarki. Den har pointeret kravet om monofyli, men accepteret de kompromiser, som er nød-

¹¹ Jf. bl.a. diskussionen i Hennig (1982), ikke mindst kap. I.

vendige, hvis klassifikationen skal bevare det Linnéske hierarkis fordele. Det gælder dels overskueligheden ved et relativt begrænset antal kategoriale niveauer i hierarkiet, dels muligheden for at karakterisere de enkelte taxa ved en række træk, der går igen hos et relativt stort antal medlemmer. Den evolutionære taksonomi viderefører på den måde den folkelige taksonomis tradition – med den væsentlige tilføjelse at klassifikationen skal fremstå som et genealogisk arrangement. Man kan på den baggrund vælge at gå to veje. Enten kan man tage udgangspunkt i ligheder og forskelle mellem arter eller artsgrupper for efterfølgende at teste de resulterende grupper med hensyn til afstamning. Eller man kan tage udgangspunkt i afstammingsforhold, og så efterfølgende forsøge at ordne grupper af arter i en hierarkisk klassifikation.

De evolutionære taksonomer foretrækker den første tilgang.¹² Man kan derved umiddelbart knytte an til de klassifikationer, som er blevet udfærdiget og raffineret gennem århundreder, og hvis retningslinier er blevet kodificeret i de internationale *Code of Botanical Nomenclature* og *Code of Zoological Nomenclature*.¹³ Den evolutionære taksonomi opererer da også fortsat med et hierarki, der i grundtrækkene stammer fra Linné. De to nomenklaturkodekser betragter *Species Plantarum* (1753) på botanikkens område og den tiende udgave af *Systema naturae* (1758) på zoologiens som startpunkter, hvorfra ændringer begrundes efter fastsatte regler.¹⁴ Til de oprindelige linnéske kategorier – orden (*ordo*), klasse (*classis*), slægt (*genus*) og art (*species*) – er på botanikkens område senere tilføjet først rige (*regnum*), række (*phylum*) og familie (*familia*) og senere tillige de sekundære kategorier stamme (*tribus*) mellem familie og slægt, samt sektion (*sectio*) og serie (*series*) mellem slægt og art. På zoologiens område finder man kategorien kohorte mellem klasse og orden. Disse kategorier er så yderligere suppleret med en række tertiære over- og underkategorier (f.eks. over- eller underfamilie) samt en kategori af hybride taxa for at kunne bringe det taksonomiske system tættere på det fylogenetiske træ.

De fire eller fem kategoriale niveauer, som Linné benyttede sig af, er på den måde vokset til nogle og tyve over artsniveau, hvortil skal lægges et større eller mindre antal kategorier under artsniveau. Den seneste internationale *Code of Botanical Nomenclature* opererer med fem kategorier under artsniveau: underart (*subspecies*), varietet (*varieta*), undervarietet (*subvarietas*), form (*forma*) og underform (*subforma*). Den tilsvarende *Code of Zoological Nomenclature* ope-

¹² E. Mayr & P. D. Ashlock: *Principles of Systematic Zoology*, McGraw-Hill 1991, pp. 122f.

¹³ *International Code of Botanical Nomenclature*, ed. W. Greuter et al., Königstein: Koeltz 2000; *International Code of Zoological Nomenclature*, eds. W.D.L. Ride et al., London: The International Trust for Zoological Nomenclature/Natural History Museum 1999.

¹⁴ I bakteriologien er udgivelsen af en samling *Approved Lists of Bacterial Names* fra 1980 udgangspunktet, og forandringer anerkendes kun efter publikation i tidsskriftet *International Journal of Systematic Bacteriology*, jf. Minelli (1993), pp. 101f.

rerer kun med underarter. Til gengæld er artsantallet i de botaniske slægter i reglen højere end i de zoologiske.¹⁵

Den evolutionære taksonomis fastholdelse af det Linnéske hierarki er primært pragmatisk begrundet. Dels et ønske om at bevare en form for overskuelighed i systemet. Dels en bestræbelse på at sikre stabilitet i klassifikationen. Konservatisme og stabilitet er udtryk for et meget forståeligt pragmatisk ønske, hvis et i forvejen temmelig uoverskueligt felt ikke skal ende i kaos, og information fra de seneste par hundrede år gå tabt. Konservatismen glæder især alle almindelige brugere af klassifikationer, men vil ligeså uomgængeligt frustrere de mange revisionsberedte taksonomer, der ønsker, at det klassifikatoriske system i højere grad skal afspejle genealogien.¹⁶

De evolutionære taksonomer er villige til at gå på kompromis med genealogien i opbygningen af et klassifikationssystem. Et af de steder, hvor viljen til at gå på kompromis tydeligst viser sig, er i toppen af hierarkiet.¹⁷ Som tidligere nævnt opererer alle folkelige taksonomier med to grundriger blandt organismerne, planteriget og dyreriget. Denne grundtanke holdt helt frem til slutningen af 1800-tallet, hvor skotten John Hogg og tyskeren Ernst Haeckel hver for sig foreslog at supplere med et yderligere rige ved siden af plante- og dyreriget. Dette rige skulle reserveres de mange nyopdagede "lavere" artsgrupper, primært encellede organismer. Hogg gav dette rige navnet *Protoctista*, mens Haeckel brugte betegnelsen *Protista*.

I slutningen af 30'erne adskilte E. Chatton og H.F. Copeland yderligere celleløse organismer fra de encellede organismer med cellekerne, således at der nu var to separate riger blandt mikroorganismene, henholdsvis *Monera* (eller *Procaryota*) uden kerne og *Protoctista* som del af den samlede gruppe af organismer med cellekerne, *Eucaryota*. For Haeckel havde *Monera* blot været en underkategori under den samlede mikroorganismegruppe *Protista*. I 1959 blev så også svampene, efter forslag fra R.H. Whittaker, udskilt som særskilt rige: *Fungi*, så der nu opereredes med fem riger: *Plantae*, *Animalia*, *Fungi*, *Protoctista* og *Monera* (eller *Prokaryota*).

Opdagelsen af de såkaldte archaeobakterier i slutningen af 70'erne som resultat af undersøgelser af RNA-sekvenser, foretaget af C.R. Woese og hans medarbejdere, har siden ført til, at de fleste taksonomer opererer med et domæ-

¹⁵ Blandt manglefoldet af uofficielle betegnelser under artsniveau kan nævnes: økotype, klimatype, toptype, cytotype, kemotype, geøøkotype, racegruppe, natio, subnatio, klin, dem og topodem (Stuessy 1990, pp. 183f; Minelli 1993, p. 75).

¹⁶ Minelli konkluderede i begyndelsen af 90'erne, efter at have interviewet en lang række systematikere, at mange specialister føler, at deres gruppe er placeret på utilfredsstillende måde i den anerkendte klassifikation. Mindre end en fjerdedel var tilfreds med slægtsopdelingerne indenfor deres eget felt (Minelli 1993, p. 169ff).

¹⁷ Ernst Mayr: "Two empires or three?" in: *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* **95**, 1998: pp. 9720-9723. Jf. også Minelli 1993, pp. 130ff, samt de historiske gennemgange i tilknytning til de enkelte taxa i Lynn Margulis & Karlene V. Schwartz: *Five Kingdoms. An illustrated Guide to the Phyla of Life on Earth*, San Francisco: W.H. Freeman & Co. 1982

ne- eller superrigeniveau allerøverst i hierarkiet.¹⁸ Det har den interessante konsekvens, at to ud af tre domæner (*Eubacteria* eller *Bacteria*, og *Archaeobacteria* eller *Archaea*) kommer til at bestå af organismer uden cellekerne, mens fire ud af de fem (indtil for nyligt) almindeligst anvendte riger (*Plantae*, *Animalia*, *Fungi* og den brogede samling *Protoctista*) placeres i det tredje domæne (*Eucarya* eller *Eukaryota*, organismer med cellekerne). Det heterogene rige *Protoctista* har været en slags skraldespand eller residualkategori med en alt for stor forskellighed af livsformer. *Protoctista* er derfor i nyere klassifikationer blevet opdelt i flere separate grupper, hver med status som særskilte riger ved siden af plante-, dyre- og svamperiget.

Hvor det klassiske skema, der som nævnt havde overlevet fra de allerførste folkelige taksonomier og frem til slutningen af det 19. århundrede, delte hele det biologiske område op i henholdsvis plante- og dyreriget, optræder disse to riger i de seneste optegnelser af det fylogenetiske træ som to mindre underkategorier (sølle to riger ud af 20-25 eller måske endnu flere) helt ude i kanten af billedet. Man kan let få den tanke, at det er en følelse af ubehag ved denne de-gradering, der har fået en del evolutionære taksonomer til fortsat at holde de cellekerneløse organismer samlet i ét rige (*Prokaryota* eller *Monera*), og samtidig fastholdt den sammensatte gruppe af ”lavere” organismer med cellekerne, *Protoctista* (eller *Protista* eller *Protozoa*) på trods af det genealogisk set forrykte i en sådan klassifikation.

Bl.a. Whittaker, Margulis og Mayr har foreslået som kompromis, at man opererer med to domæner eller ”super-riger” (*superkingdoms*) af organismer henholdsvis uden og med cellekerne: *Prokaryota* (eller *Monera*) og *Eukaryota*. Ud fra en fænetisk betragtning kan en sådan tvedeling lyde rimelig. Strengt genealogisk set er den alt andet end heldig, da *Prokaryota* så åbenlyst er en restgruppe, der tilmed er negativt karakteriseret. En genealogisk orienteret systematiker vil uden videre vælge modellen med tre domæner, selvom plante- og dyreriget dermed tildeles relativt beskedne pladser. Ernst Mayr betragtede tvedelingen som det rene vanvid. *Archaeobakterierne* er så lig andre bakterier, at en adskillelse på højeste niveau bliver meningsløs. Fænotypisk set er de bakterier som alle andre. Hertil kommer det absurde i at tilkende domæne eller superrigestatus til en gruppe bakterier, som der på det tidspunkt endnu kun kendtes nogle

¹⁸ En kortfattet oversigt over forskellige nyere klassifikationssystemer (med fra 2 til ikke mindre end 13 riger øverst i hierarkiet) findes i Lynn Margulis: *Symbiosis in Cell Evolution*, New York: W.H. Freeman & Co. 1993², p. 24ff, 62ff og Appendix. Mere omfattende er Minelli (1993), hvor der i 22 appendicer fremlægges lige så mange forskellige klassifikationsmåder. Jf. også T. Martin Embley et al.: ”Biodiversity at the molecular level: the domains, kingdoms and phyla of life,” in: D.L. Hawksworth (ed.): *Biodiversity. Measurement and estimation*, London: The Royal Society/Chapman & Hall 1995, Margulis og Schwartz (1982), og Stephen Jay Gould: ”The Power of the Modal Bacter, or Why the Tail Can't Wag the Dog,” in: *Life's Grandeur. The Spread of Excellence from Plato to Darwin*, London: Jonathan Cape 1996, pp. 178ff.

hundrede arter af, og hvor det antoges, at der kun findes nogle tusinder i alt, mens antallet af arter i eukaryoternes domæne skal tælles i millioner.¹⁹

Valget af klassifikationsmåde er bestemt af, hvad man ønsker at få frem. Ved at operere med tre domæner markeres forskellen mellem to typer af bakterier som væsentlig større end forskellen mellem eksempelvis køer og græs, og et økologisk system, der rummer de to første grupper må derfor anses for væsentligt mere diversit i taksisk forstand end et system, der rummer de to sidste. Ved kun at operere med to domæner vil de to sammenstillinger rangere på linie, mens en fastholdelse af de fem riger gør, at sammensætningen af køer og græs kan betragtes som mest forskelligartet.

Den evolutionære taksonomi fastholder det linnéske hierarki med rødder i folkelig taksonomi på trods af de betydelige forskelle, som er kommet til undervejs.²⁰ Den binomenale nomenklatur er eksempelvis fastholdt ved navngivningen af arter, selvom slægten ikke længere har den ontologisk unikke position som hos Linné. Ikke andet end pragmatisk konservatisme taler for at fastholde det linnéske navngivningssystem. Antallet af kategoriale niveauer er samtidig støt vokset siden Linné – fra fire til nogle og tyve. Det overblik, som der oprindeligt blev lagt så stor vægt på ved brugen af det hierarkiske system, er dermed for længst gået tabt. Tabet af overblik forstærkes af stadige skift af taxas kategoriale status med heraf følgende ændrede navne. Kun specialister kan følge trit med gruppernes placering. Anvendelsen af et linnésk hierarki opretholder samtidig den illusion, at der kan laves sammenligninger på tværs af organismegrupper. Hvis man eksempelvis bruger antallet af tilstedeværende familier som mål på biologisk diversitet, kommer man let til fejlagtigt at forudsætte, at der er noget ensartet ved alle taxa, der er tilkendt samme kategoriale status.

Den evolutionære taksonomi er gennem de seneste årtier blevet stærkt kritiseret fra to sider, de såkaldte fænetikere og kladister, der på trods af indbyrdes forskelle kan blive enige om én ting, nemlig at kompromiset mellem den rene genealogi og det Linnéske hierarki baseret på lighedsgrader er en dårlig løsning. Kompromiset er uheldigt, fordi både de genealogiske og de fænetiske relationer sløres. Samtidig er de to grupper enige om at kritisere de evolutionære taksonomer for at være alt for upræcise i deres metode, så klassifikationen gøres afhængig af subjektive vurderinger.

Valget står mellem at fastholde et tvivlsomt kompromis og at udvikle præcise alternativer.²¹ *Kladister* argumenterer for en genealogisk systematik med størst mulig præcision. Man kan enten forsøge at omsætte resultaterne til

¹⁹ Mayr (1998).

²⁰ Jf. også Mark Ereshevsky: "The Evolution of the Linnean Hierarchy," in: *Biology and Philosophy* 12, 1997: pp. 493-519; samme: *The Poverty of the Linnean Hierarchy*, Cambridge University Press 2001; samme: "Linnaean Ranks: Vestiges of a Bygone Era, in: *Philosophy of Science* 69, 2002: pp. 305-315.

²¹ P.N.A. Sneath & R.R. Sokal: *Numerical Taxonomy*, San Francisco: W.H. Freeman and Company 1973, p. 55.

en klassifikation med et langt større antal kategoriale niveauer, eller mere konsekvent slet og ret opgive ambitionen om at omsætte genealogien til en traditionel klassifikation. *Fænetikere* insisterer omvendt på behovet for en klassifikation, der er kendetegnet ved metodisk præcision, og ikke er afhængig af taksonomernes personlige erfaring og dømmekraft. Problemet med den evolutionære taksonomi er angivelig manglen på klare operationelle metodikker, som garanterer gentagelighed og præcision. Spørgsmålet er ikke, om den kladistiske eller den fænetiske tilgang er den bedste, men alene om det er en genealogisk systematik eller en hierarkisk klassifikation, man søger.

Numerisk taksonomi

Den evolutionære taksonomi deler udgangspunkt med fænetikerne eller de numeriske taksonomer. Opgaven er at opstille et hierarkisk system ud fra lighedsrelationer. De numeriske taksonomer kræver blot en gennemgribende reform af klassifikationen. De eksisterende hierarkier er baseret på en alt for intuitiv tilgang uden præcise operationelle kriterier. Den intuitive tilgangs succes beror på bevidsthedens evne til upræcist, men hurtigt at genkende ligheder i morfologiske detaljer. En sådan genkendelse er ikke længere mulig, når mængden af data om mikrobiologiske, kemiske eller fysiologiske karakterer, der ofte kun er opgjort i tabelform, hastigt vokser. Numeriske metoder bliver uomgængelige.²²

Der fordres en metodik, der er ”objektiv, eksplicit og gentagelig, både med hensyn til vurderingen af taksonomiske relationer og ved dannelsen af taxa.”²³ Ved at basere sig på operationelle kriterier, der muliggør en ”automatisering” af den taksonomiske proces,²⁴ sikres ensartethed hele vejen gennem det taksonomiske system. Det gælder både antallet af kategoriale niveauer og afgrænsningen og indplaceringen af de enkelte taxa. De kategoriale niveauer kan defineres præcist gennem grader af indbyrdes lighed, mens afgrænsningen af taxa kan foretages på basis af forud definerede lighedskoefficienter.

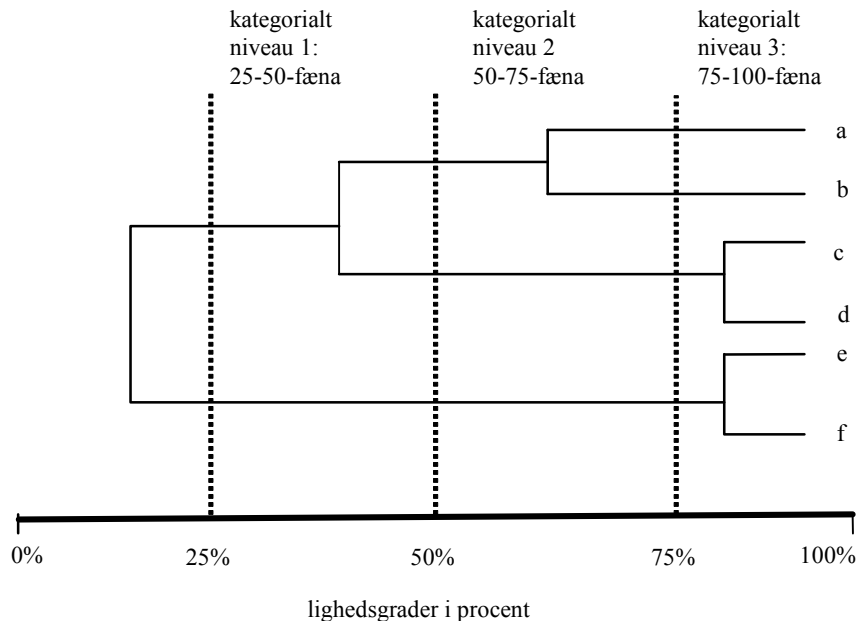
Pointen kan illustreres med *Figur 4.3*. Når organismerne eller organisme-grupperne a-f skal klassificeres, starter man med at optegne et stort antal (mindst 100) karaktertræk (eller karaktertilstande) for de enkelte organismer eller grupper. Herefter kan de indbyrdes ligheder og forskelle opgøres matematisk gennem såkaldte klyngeanalyser. I *Figur 4.3* kan grupperne a-f udskilles som selvstændige enheder i kraft af, at de ikke overskrider en på forhånd defineret intern forskels-koefficient. Grupperne c+d og e+f er så ensartede, at de kan klassificeres sammen på det 3. kategoriale niveau, eftersom forskellen mel-

²² Sneath & Sokal (1973), p. xii; Robert R. Sokal: “Classification: Purposes, Principles, Progress, Prospects,” in: *Science* **187** (4157), 1974: pp. 1115-1123.

²³ Sneath & Sokal (1973), p. xii.

²⁴ Sneath & Sokal (1973), p. 11.

lem de to grupper er mindre end 25%. Grupperne a+b kan klassificeres sammen på det 2. kategoriale niveau, da ligheden ligger mellem 50 og 75%, etc.



Figur 4.3. Principskitse af den numeriske taksonomis fænogram. De forskellige organismegrupper eller "fæna" defineres efter lighedsgrader. Gruppen a+b, hvor lighedsprocenten er mindst 65, er et 65-fænon, og indplaceres på kategorialt niveau 2 ved en klassifikation. Da genealogiske relationer ikke inddrages, har fænogrammet ingen rod.

Indplaceringen på kategoriale niveauer er alene afhængig af lighedsrelationer, mens "kødeligt slægtskab" ikke tillægges betydning. Fænetikernes argument er, at metodisk præcision er vigtigst, når det drejer sig om klassifikation. (Identificerede lighedsrelationer kan senere danne basis for antagelser om afstamning.) For en fænetiker vil det ikke komme på tale at søge efter særligt informative træk. Det gælder hverken essentielle eller funktionelt afgørende træk, som traditionen fra Cesalpino og frem søgte, eller de stabile træk som Darwin fremdrog som nyttigst. Alle karakterer må *a priori* tillægges samme betydning, da der ikke kan angives præcise regler og kriterier for at vægte nogle karakterer højere end andre.²⁵

For fænetikerne er de to væsentligste egenskaber ved et taksonomisk system kohærens og præcision.²⁶ Hertil fordres klare og operationelle definitioner af systemets enheder, de såkaldte "operationelle taksonomiske enheder" (OTU's), og præcise og ensartede metoder i alle dele af klassifikationsproces-

²⁵ Sneath & Sokal (1973), pp. 112f; Sokal (1974).

²⁶ Sneath & Sokal (1973), p. 64.

sen. Herved opnås klarhed i systemet, samtidig med at det bliver muligt at lave kvantitative sammenligninger på tværs af artsgrupper. Man vil eksempelvis kunne opstille præcise kvantitative diversitetsmål, hvis den taksonomiske forskellighed opgøres på ensartet vis overalt i systemet.

Kritikken af fænetikerne

Den fænetiske metode rummer flere praktiske problemer. Den er meget arbejdskrævende, da det er nødvendigt at opstille omfattende matricer over karaktertræk. Klyngeanalysen er desuden ikke nogen simpel og entydig foreteelse; brug af forskellige algoritmer resulterer i ret uensartede opdelinger.²⁷ Det har samtidig vist sig, at resultaterne afhænger af, i hvilke dele af organismernes livscyklus man henter flest karaktertræk. Endelig må man betragte det som et alvorligt praktisk problem, at enhver udbygning af materialet i princippet vil forandre en helt ny kalkulation, der vil resultere i nye opdelinger.

Andre problemer er mere principielle. Ved at overlade afgørelsen til automatiserede metoder afskærer sig fra at gribe regulerende ind de steder, hvor der fremkommer et resultat, som en uafhængig bedømmelse baseret på bl.a. genealogiske overvejelser vil betragte som fejlagtigt. På det, der i de fleste systemer betegnes som artsniveau (der for numeriske taksonomer blot er ét tilfældigt valgt niveau) er der intet, som forhindrer, at morfologisk afvigende individer eller varieteter, individer af forskelligt køn eller individer fra forskellige metamorfosestadier i livscyklusen hos samme art henregnes til forskellige grupper. Dispenseres fra den generelle metode, går den strikse automatik fløjten.²⁸

Fænetikernes modargument er, at man med en tilstrækkelig stor mængde karaktertræk kan undgå genealogisk set uheldige sammensætninger. I så fald må det dog forudsættes, at antallet både er betragteligt og forholdsvis jævnt fordelt, dvs. nogenlunde ligeligt vægtet, over en række forskellige typer karakterer (morfologiske, fysiologiske, molekulære, økologiske etc.) – en pointe som er i modstrid med antagelsen om, at alle træk *a priori* bør regnes som ligeværdige. Selv i disse tilfælde kan den automatiserede procedure føre til resultater, som åbenlyst strider mod genealogien. Hvis en smal artsgruppe f.eks. befinder sig mellem to brede og internt relativt forskelligartede grupper, og kun er adskilt fra begge af en forholdsvis smal kløft, vil en mekanisk procedure baseret på faste afvigelsesprocenter kunne resultere i, at den smalle gruppe indoptager de nærmest beliggende dele fra de to øvrige grupper.

En torn i øjet på evolutionære taksonomer er fænetikernes tilfældige opdeling af de kategoriale niveauer. Nogle genealogisk sammenhørende artsgrupper er meget uensartede, bl.a. krebsdyrene, mens andre, f.eks. fuglene, udviser mindre intern variation. I den numeriske taksonomi vil sådanne grupper blive placeret på forskellige kategoriale niveauer alene i kraft af den uens interne

²⁷ En gennemgang af principperne i klyngeanalyser findes i Sokal (1974).

²⁸ Jf. også Hennig (1982), p. 30.

variationsgrad. En afstemning af koefficienterne, så klassifikationen bedre passer med genealogisk identificerede grupper, vil stride mod princippet om automatisering på basis af apriorisk fastlagte kriterier. Når fænetikerne argumenterer for, at brugen af faste lighedskoefficienter muliggør sammenligninger på tværs af riger, er modargumentet, at der er tale om så heterogene karaktertyper, at de ikke uden videre kan sættes på samme formel.²⁹ Forskelle mellem tilfældigt valgte karaktertræk hos to slags træer kan ikke meningsfuldt sammenlignes med forskelle mellem tilfældigt valgte træk hos to slags fisk eller mikroorganismer. Niveauer kan ikke meningsfuldt sammenlignes på tværs af livsformer.

For evolutionære taksonomer er den numeriske taksonomis metoder et vigtigt supplement, der specielt er nyttigt i tilfælde, hvor der ikke tidligere er foretaget en klassifikation. Det gælder ikke mindst indenfor mikrobiologien, eller hvor et stort antal organismegrupper er nært beslægtede og kan være vanskelige at opdele. Metoderne kan desuden oplagt anvendes til at vurdere gyldigheden af en etableret klassifikation.

Kladistisk systematik

Som nævnt er det den typiske fremgangsmåde i den evolutionære taksonomi at man først opstiller et hierarkisk system på grundlag af lighedsrelationer, hvorefter systemet testes og eventuelt revideres ud fra genealogiske kriterier. Systemet kan i en vis udstrækning omformes til et stamtræ, et såkaldt dendro- eller fylogram,³⁰ hvor hver forgrening på træet markerer en nydannelse på et givet tidspunkt, dvs. en opdeling i to eller flere, hver for sig klart differentierede udviklingslinier med særskilte betegnelser.

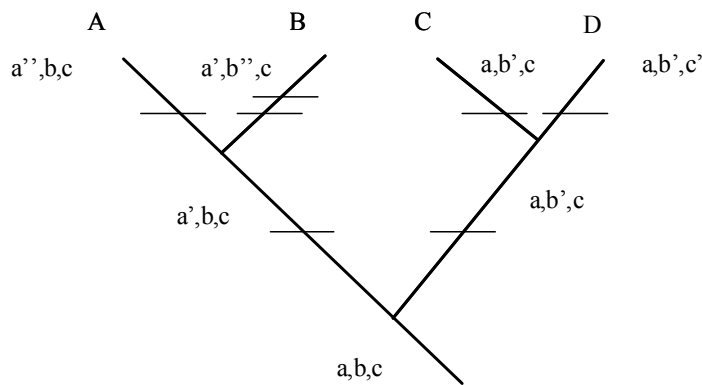
Spørgsmålet er imidlertid, hvad det vil sige at teste ud fra genealogiske kriterier. I følge de såkaldte kladister eller forgrenere (af *klados*, gren) er den evolutionære taksonomi ikke er tilstrækkeligt genealogisk orienteret, men alt for villig til at gå på kompromis, så den evolutionære udvikling sløres. For at undgå denne sløring vil det være nødvendigt at gå den modsatte vej end den, de evolutionære taksonomer foretrækker. Der må konsekvent tages udgangspunkt i genealogien, og først efterfølgende kan man overveje at opstille en hierarkisk klassifikation, i så fald med væsentlig flere kategoriale niveauer. Mest konsekvent vil det være helt at opgive de kategoriale niveauer.

²⁹ Bl.a. Mayr & Ashlock (1991), p. 202.

³⁰ Den første, der brugte stamtræet ved biologisk klassifikation, er Ernst Haeckel (*Generelle Morphologie*, 1866) – en nyskabelse, som Darwin roste i senere udgaver af *Origin of Species*. Hos Haeckel var der endog tale om træer med bark og knudrede grene og kviste. Siden er fylogrammerne blevet stadigt mindre sanselige. Om de fylogenetiske træers historie handler E. Voss: "The history of keys and phylogenetic trees," i: *J.Sci.Lab. Denison Univ.* **43** (1), 1952, pp. 1-25.

Udgangspunkt i apomorfe træk

Den kladistiske tilgang er kendetegnet ved tre elementer. For det første skal stamtræet alene konstrueres med udgangspunkt i de såkaldte synapomorfier, dvs. sent udviklede (apomorfe eller avancerede) karaktertræk der deles af en enkelt monofyletisk gruppe, mens ældre (plesiomorfe eller primitive) træk, de såkaldte synplesiomorfier, der deles med andre grupper, ignoreres. Opdelingen i henholdsvis apomorfe og plesiomorfe træk sker almindeligvis på to måder. Enten gennem en *out-group* sammenligning: de træk, som findes blandt medlemmerne af det undersøgte taxon (*in-group*), men ikke hos den eller de nærmest beslægtede taxa (*out-groups*), allerhelst den nulevende søstergruppe, vil typisk være apomorfe træk. Eller ved at se på den ontogenetiske udvikling: de senest udviklede træk hos en organisme vil typisk være apomorfe.



Figur 4.4. Kladisternes udgave af dendrogrammet: kladogrammet, viser den enkleste fordeling af karakterer. Kladogrammet er konstrueret på grundlag af apomorfe træk. Udvikling af nye træk er markeret med horisontale streger.

Pointen kan illustreres med Figur 4.4, der er en principskitse af de fylogenetiske systematikeres form for dendrogram: kladogrammet, der er en optegnelse af karaktertræk, og som udgør grundlaget for opbygningen af stamtræer. Trækkene a, b og c er i figuren alle plesiomorfe, mens henholdsvis a', b' og c' er apomorfe træk. Hvorvidt et træk er apomorft eller plesiomorft er dog afhængigt af sammenhængen; trækket b' er således plesiomorft i sammenligningen af grupperne C og D, mens det udgør en afgørende synapomorfi for gruppen CD i sammenligningen med AB.

Kladogrammet er opbygget efter det tvedelingsprincip, som Platon introduerede, og man kan sige, at kladisterne som de første har formået at give et rimeligt svar på Aristoteles' indvendinger mod Platon. Ved systematisk at opbygge kladogrammet efter apomorfe træk undgår de i princippet en opsplitting af "naturligt sammenhørende grupper." Rækkefølgen af tvedelinger er styret af et velbegrunderet princip, som det først blev muligt at opstille efter pointeringen

af det kødelige slægtskab. Ikke desto mindre er en af de evolutionære taksonomers hovedindvendinger mod kladisterne, som vi skal se om lidt, at de ofte enten opsplitter “naturligt sammenhørende grupper” eller tvinger dem sammen med andre i fænotypisk heterogene grupperinger.

Det er ofte vanskeligt at optegne den præcise fylogenetiske udvikling. Den kladistiske analyse sigter i princippet efter parsimoni, dvs. den enkleste vej med de færreste trin (Ockhams ragekniv). Når den specifikke udvikling skal optegnes, vil den model blive valgt, som kræver det laveste antal tvedelinger. Kladogrammet er den enklest mulige optegnelse af identificerede træk på et givet område. Selv med udgangspunkt i parsimoni-princippet er analysen imidlertid kompliceret. Så snart der inddrages mere end få træk, kan der opstilles et stort antal lige enkle fylogenetiske træer. Ved brug af forskellige algoritmer nås ofte til forskellige resultater. Ved inddragelse af blot 15 træk kan opstilles over 200 billioner forskellige træer.³¹ En teori om afstammingsforholdene vil derfor nødvendigvis afhænge af en vurdering af trækkenes indbyrdes korrelation, og en sådan vurdering må foretages af erfarne taksonomer.

Det er langt fra sikkert, at evolutionen faktisk er forløbet i overensstemmelse med parsimoni-princippet. Der kan eksempelvis have fundet parallelle udviklinger sted i flere linier på én gang, eller én gang erhvervede træk kan senere være mistet igen – to fænomener der tilsammen betegnes som “homoplasi.” Også hybridiseringer, der ikke mindst i planteriget er relativt almindeligt forekommende, skaber vanskeligheder. Det samme gælder horisontal udveksling af gensekvenser på mikrobiologiens område.

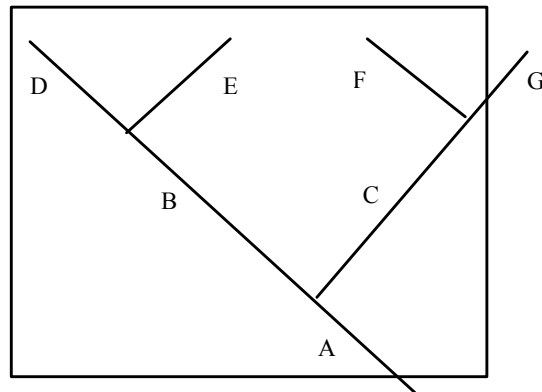
Monofyletisk og parafyletisk

Det andet centrale element i den kladistiske tilgang får betydning, hvis klado-grammet forsøges omsat til en klassifikation. Kladister stiller således større krav end de evolutionære taksonomer til betegnelsen ‘monofyletisk.’ Kladismens stamfader Willi Hennig definerer det monofyletiske taxon som “en gruppe af arter, der er efterkommere af en enkelt (stam-)art, og som forener alle de arter, som er efterkommere af denne stamart.” Eller alternativt: “En monofyletisk gruppe omfatter samtlige efterkommere af en individgruppe, der i sin tid tilhørte samme forplantningsfællesskab, dvs. samme art.”³² Det er ikke nok, at alle har samme stamfader. Taxonet skal omfatte *alle* efterkommere. Med denne definition udelukker man ikke blot de polyfyletiske taxa, men også såkaldt parafyle-

³¹ Jf. bl.a. Signe Frederiksen et al.: *De højere planters evolution og klassifikation*, København: Gad 1997, p. 20.

³² Hennig (1982), p. 77. Mere teknisk opdeles i stamme-, knudepunkts- og apomorfi-baserede taxa. Ved stammebaserede taxa lægges snittet, så taxonet omfatter stamfaderen og alle medlemmer af senere separerede taxa. Ved knudepunktsbaserede taxa lægges snittet, så man alene inkluderer de separerede taxa, men ikke stammen. Ved apomorfibaserede taxa lægges snittet der, hvor det nye træk er opstået (Kevin de Queiroz & Jacques Gauthier: “Phylogenetic Taxonomy,” in: *Annual Review of Ecology and Systematics* 23, 1992: pp. 449-480).

tiske taxa, der nok udspringer af samme stamart, men som ikke er fuldstændige, fordi særligt markante udviklingslinier er udskilt af den fylogenetiske gren.³³ I Figur 4.5 vil parafyli forekomme, fordi de eksisterende arter D, E og F, der alle er efterkommere af “stamarten” A, samles i et taxon, mens G holdes ude. Det kan forekomme uforståeligt, hvorfor G holdes ude. I den typiske situation, hvor anvendelsen af parafyletiske taxa kommer på tale, adskiller en enkelt linie sig imidlertid markant fra de øvrige linier.



Figur 4.5. Parafyli. Da D, E og F har samme stamfader, kan forgreningen (ABC)DEF betegnes evolutionære taksonomer den som monofyletisk. Da G holdes ude, vil kladister ikke kalde (ABC)DEF ‘monofyletisk.’ Den betegnes i stedet som ‘parafyletisk.’

Parafyletiske grupper optræder i vid udstrækning i evolutionære taksonomers klassifikation. Ofte bestemmes den parafyletiske gruppe ligeså meget af den gruppe, som er holdt ude, som af taxonets egne positivt definerede træk. Invertebrater er netop ikke vertebrater, encellede organismer mangler flere celler, prokaryoter mangler cellekerne etc. I følge kladisterne er sådanne taxa uheldige af samme grund, som Aristoteles anførte overfor Platon: et taxon bør aldrig defineres negativt. For evolutionære taksonomer er det måske nok uheldigt, men ikke noget voldsomt problem.

Nogle parafyletiske grupper er mere ensartede. Fisk må ganske vist også afgrænses negativt som vertebrater, der ikke lever på land og ikke har lemmer, men der er samtidig en række fælles positivt identificerbar særtræk. Reptiler har samme forfader og gennemgående mange synapomorfe træk, men blev til en parafyletisk gruppe, da fuglene og pattedyrene udvikledes som *ex-groups*. Det problematiske ved anvendelsen af sådanne grupper ud fra en strengt genealogisk betragtning er, at de slører det evolutionære forløb. Til gengæld giver de mulighed for generelle fænotypiske karakteriseringer eller diagnosticeringer af det enkelte taxon. I et konsekvent genealogisk system vil det ikke være muligt at generalisere. Det strengt monofyletiske (eller “holofyletiske” med de evoluti-

³³ Hennig (1982), p. 144; Bonde, p. 152ff. Se også diskussionen af forskellige forslag til harmonisering i Minelli (1993), pp. 39ff.

onære taksonomers betegnelse) taxon kan være ganske heterogent i fænetisk henseende. Selvom visse træk ofte vil være gennemgående, så kan samtlige træk hos dele af en udviklingslinie kan være forskellige fra den ene ende til den anden. Jo længere kladen, forgreningen eller udviklingslinien er, dvs. jo ældre stamorganismen er, jo større vil forskellene være.

Anvendelsen af parafyletiske grupper er uundgåelig i taksonomier, der opererer med et begrænset antal kategoriale niveauer. Så snart en gruppe adskiller sig så meget fra stamgruppen, at taksonomen finder det nødvendigt at separere den i sin klassifikation, bliver stamgruppen uundgåeligt parafyletisk (med mindre alle dens medlemmer samtidig dør med ét slag).³⁴ Hvis en enkelt art adskiller sig så meget fra de øvrige medlemmer af slægten, at man ønsker at udskille den som en særlig slægt, vil den oprindelige slægt blive parafyletisk.

Taksonomi eller kladonomi, klassifikation eller kladifikation?

Det tredje vigtige element i den oprindelige kladistiske tilgang hos Hennig er understregningen af, at alle søstergrupper, dvs. grupper der er direkte efterkommere af en fælles stamform, må tilkendes samme kategoriale status, hvis man skal omsætte kladogrammet til en klassifikation.³⁵ Alle andre valg vil sløre de genealogiske relationer. Hennig udelukkede at tage hensyn til f.eks. størrelsen og diversiteten af de enkelte grupper, den enkelte livsforms grad af fænetisk markanthed, etablerede fænetiske kløfter mellem eksisterende livsformer etc. Brugen af sådanne kriterier undergraver en genealogisk opbygget systematik.

En af konsekvenserne er, at relativt sent udviklede grupper placeres lavt i hierarkiet, uanset hvor store, diverse eller dominerende de end måtte være. Hvis man prøver at holde sig indenfor et begrænset antal kategoriale hovedniveauer, og der skal være plads til de ældre organismegrupper, så vil der kun være få og lavt placerede kategoriale niveauer tilbage til sent udviklede grupper som pattedyr eller fugle. Hvis man omvendt forsøger at få størst mulig fylogenetisk præcision ind i systemet, og fortsat ønsker at operere med kategoriale niveauer, vil man i stedet ende med et meget stort og uoverskueligt antal niveauer.

Hennig foreslog, for at få et overskueligt grundskelet i systemet, at fastlæggelsen af de kategoriale hovedniveauer: slægt, familie, orden etc. blev foretaget ensartet og absolut for alle artsgrupper med udgangspunkt i alder.³⁶ På den måde syntes det muligt at lave veldefinerede sammenligninger af hierarkier på tværs af artsgrupper med vidt forskellig alder og differentieringshastighed. En mulighed der i det mindste i princippet kunne åbne op for anvendelse af

³⁴ Jf. også Richard K. Brummitt: "Taxonomy versus Cladonomy, a Fundamental Controversy in Biological Systematics," in: *Taxon* **46** (4), 1997: pp. 723-734; samme: "How to Chop up a Tree," in: *Taxon* **51** (1), 2002: pp. 31-41; M.S.M. Sosef: "Hierarchical Models, Reticulate Evolution and the Inevitability of Paraphyletic Supraspecific Taxa," in: *Taxon* **46** (1), 1997: pp. 75-85.

³⁵ Hennig (1982), p. 152.

³⁶ Hennig (1982), pp. 176ff.

ensartede kvantitative diversitetsmål, der tager højde for taksonomisk diversitet. Hovedkategorierne skulle relateres til perioderne mellem de fem katastrofelig-nende hændelser, hvor et stort antal udviklingslinier er forsvundet. I det omfang, det blev nødvendigt for at skabe præcision i de fylogenetiske relationer, kunne mellemkategorier efterfølgende indføjes.

Hennig angav selv tre problemer ved et aldersbaseret absolut hierarki. For det første de praktiske vanskeligheder med at fastlægge alle udviklingslini-ers præcise alder. Mere alvorligt er behovet for betydelige omklassifikationer, der over lang tid medfører kaotiske tilstande i taksonomien. Et tredje problem er, at uddøde artsgrupper ikke kan opdeles kategorialt på samme måde som recente grupper. F.eks. vil en gruppe, der forsvandt før den kambriske eksplosion, være fanget på hierarkiets øverste niveau, og vil ikke kunne underopdeles i ordener, familier etc. Hver enkelt af de dengang eksisterende “arter” vil i realiteten udgøre sit helt eget rige.

Hennigs svar var, at udgangspunktet for systematikken må være såkaldt non-dimensionale arter i den eksisterende dyre- og planteverden. Hensyntagen til palæontologien må ikke få den fylogenetiske systematik til at opgive troska-ben overfor sine grundsætninger.³⁷ Denne vanskelighed er beslægtet med en anden, som også gør sig gældende for en fylogenetisk klassifikation. Bortlug-ningen af parafyletiske grupper har den konsekvens, at en række almindeligt anvendte stamgrupper forsvinder. I princippet bliver det umuligt at tale om stamgrupper, herunder stamarter. “Stamarten” må forsvinde som art i det øje-blik, man kan identificere en differentiering; i modsat fald lever den videre som parafyletisk taxon.³⁸

Den væsentligste indvending mod bestræbelse på at opnå størst mulig fy-logenetisk præcision er dog den, at en konsekvent kladistisk klassifikation uvæ-gerligt vil medføre et uoverskueligt antal mellemkategorier. Den konsekvente kladist, der fastholder en niveaudelt klassifikation, vil fremstå som en ekstrem kategorimæssig *splitter*. I princippet bør der oprettes en ny kategori for hver opsplnitning af identificerbare udviklingslinier. Da kun fænetiske og pragmatiske kriterier kan begrunde afvigelser herfra, og disse kriterier ikke kan komme på tale i den fylogenetiske klassifikation, kan man i realiteten slet ikke længere tale om *lumpers* og *splitters* blandt konsekvente kladister.³⁹

Antallet af kategorier vil blive umådeligt stort, hvis man forsøger at om-sætte optegnelser af klader til et kategoribaseret system.⁴⁰ Nogle kladister har af

³⁷ Hennig (1982), p. 186.

³⁸ Hertil bl.a. Gareth Nelson: “Species and Taxa: Systematics and Evolution,” i: Otte & Endler (1989), pp. 69ff, og Brummitt (1997). Det svarer til den “parafyletiske” brug af begrebet ‘natur,’ når menneskearten holdes ude.

³⁹ Jf. også de Queiroz & Gauthier (1992).

⁴⁰ Michael Donoghue fremlagde ved den botaniske kongres i St. Louis, hvor den seneste nomen-klaturl-kode blev diskuteret, en udskrift af et fylogenetisk træ for blomsterplanter. Listen var

praktiske grunde forsøgt at indgå kompromisser, så antallet af kategorier holdes nede gennem indførelse af såkaldte fylogenetiske sekvenser af grupper uden selvstændig kategorial status og palæontologisk væsentlige ”plesioner” eller søstertaxa mellem kategorierne.⁴¹ Udsigten til de mange problemer, som følger heraf, har imidlertid fået de fleste kladister til helt at opgive anvendelsen af kategoriale niveauer for i stedet blot at arbejde med kategoriløse optegnelser over klader eller udviklingslinier med forskellige grader af inklusivitet. Inklusiviteten markeres alene gennem indrykninger eller talværdier.

Den såkaldte PhyloCode, *International Code of Phylogenetic Nomenclature*, som er kladisternes hidtil mest gennemarbejdede bud på en taksonomi, er organiseret på denne måde.⁴² Her findes ingen kategoriale niveauer, da disse er for arbitrært valgt til at være informative, og set fra et fylogenetisk synspunkt er til mere skade end gavn. Alene fylogenetisk definerede udviklingslinier eller klader optræder. Ret beset er det ikke længere grupper af organismer, der klassificeres, men netop udviklingslinier eller klader. Fjernelsen af de kategoriale niveauer betyder samtidig, at der ikke længere findes regler for navngivning, der afspejler det kategoriale hierarki, sådan som det kendes fra traditionelle klassifikationer. Klader kan bevare de navne, de én gang har fået, uanset om de senere tillægges en anden placering i systematikken. Navngivningen er i kodeksen reguleret af et omfattende regelsæt, der dels præciserer de forskellige typer af klader, som kan anvendes,⁴³ dels – på linie med andre kodekser – angiver de krav om kvalitetskontrol og *peer review*, der må stilles i forbindelse med anerkendelse af nye navngivne klader.

Den fylogenetiske nomenklaturkodeks har igen rejst debatten, hvad det helt præcis er, der klassificeres. Som nævnt er det ikke grupper af organismer, der navngives i PhyloCode, men udviklingslinier, klader eller forgreninger, forstået som spatio-temporalt identificerbare ”individer,” der ikke behøver rumme så meget som ét eneste træk, der vedvarende er til stede hos alle dele

omkring 4 meter lang, og han vurderede, at en samlet liste ville strække sig over flere kilometer (Susan Milius: ”Should we junk Linnaeus?” in: *Science News* **156** (17), 1999: pp. 268-271).

⁴¹ ’Plesion’ er en forkortelse for ”plesiomorfisk søster-taxon,” jf. E.O. Wiley: *Phylogenetics. The Theory and Practice of Phylogenetic Systematics*, New York: John Wiley and Sons 1981.

⁴² Philip D. Cantino, Kevin de Queiroz et al.: *International Code of Phylogenetic Nomenclature*. Jeg har benyttet mig af den versionerne 3a fra juni 2006 og 4.b fra september 2007; den seneste kodeks kan løbende downloades fra hjemmesiden <http://www.ohiou.edu/phylocode/>.

⁴³ Der anvendes en række klade typer i PhyloCode. En *knudepunkts-baseret klade* er en klade, der udspringer fra et bestemt knudepunkt på det fylogenetiske træ. En *gren-baseret klade* er en klade, der udspringer fra en bestemt gren (mellem to knudepunkter) på det fylogenetiske træ. En *apomorfi-baseret klade* er en klade, der udspringer fra den organisme, hvor en apomorfi opstod. En *kron-klade* er en knudepunkt-baseret klade indenfor hvilken alle grene, der udspringer direkte fra knudepunktet har recente efterkommere. En *total-klade* er en gren-baseret klade, der består af en kron-klade og alle de organismer, der deler en senere fælles stamfader med den (version 4.b, juni 2006 Artikel 2)

gennem individets levetid.⁴⁴ Selvom organismer ikke har ensartede træk hele vejen igennem livsforløbet, forhindrer det os ikke i at betragte dem som individer. Tolkes 'individ' i denne minimalistiske betydning af ordet, vil det afgørende alene være den spatio-temporale kontinuitet, der indikerer en kausal forbindelse mellem individets dele, efterhånden som de dukker op.

Hvor det ved klassifikationen af grupper af organismer er karakteristisk, at man diagnosticerer gruppens medlemmer enten gennem fælles træk eller familieligheder, så gælder det ikke, når man identificerer en gren eller udviklingslinie spatio-temporalt med en begyndelse i "stamarten" (eller stamorganismen) med et apomorft træk, men i øvrigt holder sig fra enhver form for diagnostik. Ligheder blandt organismer, som udspringer fra (og er kausalt forbundet med) samme stamorganisme, bør ikke influere på klassifikationen.

Det kladistiske hierarki er af en helt anden type end den evolutionære taksonomi. Den evolutionære taksonomi optegner et hierarki af grupper af mere eller mindre ensartede organismer, der hver især er indeholdt i overordnede grupper af organismer med færre, men stadig identificerbare lighedstræk. Det kladistiske hierarki er derimod et hierarki af mere eller mindre inklusive forgreninger, udviklingslinier eller klader, der hver især udgør dele af mere omfattende klader. Organismerne udgør dele af de enkelte klader, men behøver ikke ligne hinanden. En tidsmæssigt udstrakt og inklusiv forgrening kan i den ene ende omfatte bakterier i den anden ende mennesker.

Evolutionære taksonomer har af samme grund hævdet, at der ikke er tale om en egentlig klassifikation. Hertil fordres netop klasser eller grupper og ikke blot klader eller individer i den nævnte forstand. Taxa er for dem klasser af organismer med forskellige grader af lighed, der udspringer af slægtskab. De betegner den kladistiske systematik som en "kladifikation," og den kladistiske tilgang som "kladonomi" til forskel fra den egentlige taksonomi.⁴⁵

Hvilken systematik? Hvilken klassifikation?

De beskrevne tilgange er umulige at kombinere til én logisk konsistent ordning. Da der opereres med forskellige navngivningsregler, må biologer enten blive flersprogede eller vælge konsekvent at navngive efter den ene eller den anden tilgang. De forskellige tilgange kommer dermed hurtigt i indbyrdes konkurrence. Valget mellem dem kan ikke alene besvares med henvisning til genstands-

⁴⁴ Denne pointe stammer oprindeligt fra P.F. Strawson: *Individuals: an essay on descriptive metaphysics* (1959), London: Methuen 1974, og er primært introduceret i den nyere debat af Michael Ghiselin (bl.a. "A Radical Solution to the Species Problem," in: *Systematic Zoology* **23** (4), 1974: pp. 536-544). Andre reserverer betegnelsen til 'individ' til entiteter med en vedvarende intern sammenhæng eller kausal forbundethed, sådan som evolutionære taksomer vil hævde, at det er tilfældet hos arter i kraft af et fælles genreservoir (jf. kapitel 7 nedenfor).

⁴⁵ Ernst Mayr & W.J. Bock: "Classifications and other ordering systems," in: *J. Zool. Syst. Evol. Research* **40**, 2002: pp. 169-194; Brummitt (1997).

området beskaffenhed eller graden af videnskabelighed. Svaret afhænger af, hvilke hensyn man vægter højest.

Sigter man mod at optegne den fylogenetiske udvikling med størst mulig præcision, kræves optegnelser i stil med de fylogenetiske systematikers kladogrammer og lister af klader, uanset om disse efterfølgende forsøges oversat til hierarkiske klassifikationer med et stort antal kategorier i overensstemmelse med de hennigske regler eller optegnes kategoriløst efter regler i stil med PhyloCodes. Omkostningen er, at man enten må operere med et uoverskueligt antal kategorier eller helt opgive brugen af kategorier, som bl.a. kan anvendes til diagnostik. Kladens dele, dvs. organismerne, vil ikke kunne karakteriseres med ensartede træk. Selv de synapomorfe træk, der foranledigede en ny klade, kan senere være forsvundet igen. Under alle omstændigheder kommer man til at vende op og ned på hele det etablerede klassifikationssystem med alle de omkostninger, der følger heraf. De evolutionære taksonomer vil hævde, at en kladistisk systematik også efterfølgende vil være betydelig mere ustabil end de mere traditionelle optegnelser, da enhver tilføjelse af en ny klade eller gren vil føre til forandringer i systemet. Hver gang en hidtil ukendt *ex-group* opdages, vil det føre til underkendelse af mindst én mono- eller holofyletisk gren.

Sigter man mod operationaliserbarhed og gentagelighed, så den uerfarne kan lave ligeså gode klassifikationer som den erfarne forsker, samtidig med at man prioriterer de fænotypiske relationer frem for de fylogenetiske, vil den fænetiske form for klassifikation være mere tiltrækkende. Omkostningen er, at fylogenetiske forhold ignoreres, og at taxa gøres helt afhængige af nogle vilkårlige, apriorisk valgte ligheds- og afvigelsesprocenter. På nye og uudforskede områder vil dette forhold næppe være noget stort problem, mens der uundgåeligt vil opstå modstand på velkendte områder med veletablerede grupperinger, der ikke er afpassede efter apriorisk valgte lighedskoefficienter. Også i den fænetiske klassifikation må der desuden forventes en betydelig ustabilitet, eftersom enhver nytillføjet karakter- eller tilstandsbeskrivelse vil fordrer revideret kalkulation. Hvortil kommer, at brug af forskellige algoritmer vil give forskelligartede resultater.

Den evolutionære taksonomis største force er, at den umiddelbart kan knytte an til etablerede klassifikationer og giver mulighed for diagnostik, samtidig med at de fylogenetiske relationer stadig i en vis udstrækning kan aflæses af systemet. Nye arter og artsgrupper vil lettere kunne indpasses i det eksisterende system. Der vil dog også her uundgåeligt forekomme stadige omklassificeringer i kølvandet på ny information. Revisioner er da også her reglen snarere end undtagelsen. Det gælder ikke mindst som følge af nye teknologier. Den stigende inddragelse af molekylærbiologi og den stadigt forbedrede computerteknologi har allerede vendt op og ned på mange vante klassifikationer.

En anden kilde til ustabilitet er af mere traditionel art, som når *lumpers*, der sigter mod at danne omfattende grupper med henblik på at skabe overblik, og *splitters*, der foretrækker mindre grupper for at få mere præcision og nærhed til det fylogenetiske stamtræ, på skift afløser hinanden. Der er ingen soleklare

kriterier for afgrænsning af taxa. Et forhold, der giver megen frustration for biologer, der under det linnéske systems regime er tvunget til at placere et taxon kategorialt – hvad der anvendes betydelig energi på.⁴⁶ Den konservatisme og stabilitet, som tilhængerne af den evolutionære taksonomi lægger stor vægt på, peger ikke ubetinget mod at anvende netop deres form for optegnelse.

For mange praktikere er det ikke blot generende, at der løbende foretages omklassifikationer, så grupper skifter status eller tillægges forskellig status af forskellige taksonomer. Nok så forvirrende er det, at navngivningsreglerne gør, at grupper skifter navn, når de skifter status. Det gælder ikke blot på artsniveau med Linnés binominale system. Navne ændres også med ændret status som følge af de navngivningsregler, som Simpson indførte, og i følge hvilke gruppens kategoriale status angives med en fælles endelse. Tolkens en gruppes status forskelligt af to taksonomer, vil den blive tillagt to forskellige navne.

Den for fylogenetisk orienterede forskere største omkostning ved den evolutionære taksonomi er dog, at kompromiset mellem fænetik (og mulighed for generelle karakteriseringer af taxa, der ikke alene baseres på apomorfe træk) og fylogeni fører til betydelige uklarheder på det sidste område. Forekommer omkostningerne ved at nøjes med den kladistiske tilgang for store, vil dette problem alene kunne løses ved en opsplitning mellem en kompromisprægede klassifikation og en strengt fylogenetisk systematik.

Den subjektive komponent

Et forhold, som mange betragter som et centralt problem i den evolutionære taksonomi, er den aposterioriske vægtning af karakterer. En vægtning som fordrer stor erfaring og vurderingsevne, og som hindrer operationalisering på en metodisk ensartet måde. Derved indføres en i manges øjne uheldig ”subjektiv” komponent, som bør minimeres i videnskabelig sammenhæng. Denne form for kritik er ikke rimelig. Kritikerne skelner sjældent skarpt nok mellem to slags subjektivitet. Det subjektive kan optræde som modsætning både til det strengt regelstyrede og metodisk-automatiserede, og til det objektive og saglige. I det første tilfælde træder den subjektive komponent til, når afgørelser ikke kan operationaliseres på fornuftig vis. I det andet tilfælde er den subjektive komponent garant for vilkårlighed, usaglighed og idiosynkrasi. Sammenblandes de to betydninger, bliver mangel på stringent operationalisering det samme som idiosynkrasi og usaglighed. Det er en fejlslutning.

Ingen ville argumentere for en øget inddragelse af subjektive komponenter i videnskaben, hvis der med ’subjektivt’ menes noget vilkårligt og idiosynkratisk. Eller hvis det subjektives tilstedeværelse er ensbetydende med usaglighed. Derimod er der ingen saglig grund at afvise tilstedeværelsen af komponenter, der ikke er strengt regelstyrede. Tværtimod vil de være uundværlige på ethvert område. Regelløs dømmekraft fungerer som kontrol- og kompensations-

⁴⁶ Jf. bl.a. Ereshevsky (2002).

instans, der sikrer, at anvendte regler og metoder er afpasset efter genstandsområdet på fornuftig vis. Den træder til, når automatiserede procedurer ikke længere rækker. Selve anvendelsen af regler fordrer en regelafhængig, subjektiv instans. Den kan principielt ikke være regelstyret hele vejen igennem, uden at man ender i en uendelig regres. Endelig må regler og metoder selv konstrueres efter saglige hensyn, hvilket ikke er muligt uden en uafhængig subjektiv instans. Det er ikke nogen alvorlig indvending mod den evolutionære taksonomi, at afgrænsningen af taxa ikke foretages gennem stringente og regelrette procedurer. Det bliver først en seriøs indvending i det øjeblik, det kan påvises, at en strengere metodik åbenlyst fører til bedre resultater. Det forhold, at en metode er nøje overholdt, sikrer ikke i sig selv et bedre resultat.

Det er klart, at det er et problem, når erfarne og saglige taksonomer når frem til forskellige resultater. Kan man finde en metode, der kan afgøre striden, er meget vundet. Forudsat at den er mindst ligeså sagligt velbegrundet som hver af de modstridende tolkninger. Operationalisering er kun et fremskridt der, hvor det fører til bedre resultater, eller hvor det gør processen lettere og mere smidig af uden tab af kvalitet. Hvis ikke alle mener, at en foreslået operationalisering opfylder disse krav, vil striden blot udspille sig på metaniveau som en strid om metoder. Og så er man jo lige vidt.

Den naturlige klassifikation

Taksonomer understreger ofte deres egen klassifikations "naturlighed." Tilhængere af den evolutionære taksonomi hævder, at den aposterioriske tilgang er udtryk for sensitivitet overfor genstanden og dermed større naturlighed. Jo flere aprioriske regler, der på forhånd lægges ned over stoffet, desto mere kunstigt bliver resultatet. Botanikeren Tod Stuessy formulerer det sådan, at et "naturligt" klassifikationssystem må være baseret på træk, der er udvalgt *a posteriori* efter deres værdi i en hierarkisk struktur, der sikrer mest information og størst forudsigelsesmulighed.⁴⁷ Han bekender sig dermed til en opfattelse af metodikken, der ligger i tråd med Simpsons betoning af den erfarne systematikers "intuition." Der behøver ikke at være formuleret noget eksplicit om den udvælgelse og vægtning af karakterer, der foretages af taksonomen. Netop heri ligger det æstetiske element i processen.

Det naturlige ved den evolutionære taksonomi består i opretholdelsen af følsomhed overfor materialet og i den kreativitet, der er forbundet med valget af løsninger. "Kunstige" klassifikationer tager derimod udgangspunkt i aprioriske metoder eller i forhold, som er eksterne i forhold til de undersøgte arter og individer. Cesalpino og Tourneforts metoder var kunstige, fordi de var påtvungne og aprioriske, Linnés aprioriske prioritering af bestemte karakterer var kunstig, den fænetiske eller numeriske taksonomi er kunstig fordi den baserer sig på en apriorisk metodik. Også kladismen er kunstig, fordi den alene koncentrerer sig

⁴⁷ Stuessy (1990), pp. 52 og 58.

om karaktertræk af evolutionær betydning, synapomorfier eller avancerede fællestræk, og ignorerer alle andre træk.

Omvendt insisterer kladister på, at kun den kladistiske optegnelse af de fylogenetisk korrekte opdelinger er rigtig "naturlige." Niels Bonde har formuleret det få denne måde: "Det fylogenetiske system er et naturligt system afspejlende naturens eget hierarki skabt af afstammingsrelationerne, det kan derfor bruges som det mest generelle referencesystem i biologi."⁴⁸ Kun kladismen tager genealogien og den evolutionære udvikling tilstrækkeligt alvorligt til, at man kan bruge betegnelsen 'naturlig' om det resulterende system. De evolutionære systematikeres sammentrængning af evolutionshistorien til et linnésk hierarki med parafyletiske grupper er derimod en højst unaturlig, konventionel og pragmatisk måde at sammenfatte information om den biologiske diversitet.

Også fænetikerne betegner netop deres klassifikation som den naturligste af alle. Sokal og Sneath understreger, at en lige vægtning af karaktertræk ikke blot er den eneste praktiske løsning, men tillige er den mest "naturlige taksonomi," fordi den ikke præges af menneskelig subjektivitet, men fremkommet automatisk gennem rene matematiske manipulationer.⁴⁹ Den fænetiske klassifikation opgør den "naturlige" fordeling af karakterer, selvom der er tale om en fordeling aflæst gennem en bestemt metodik.

"Naturlig" er umiddelbart udskifteligt med andre positive prædikater som 'fornuftig,' 'rimelig' eller 'velbegrundet.' Der føjes intet til ud over retorisk ornamentik ved en insisteren på, at klassifikationen ikke blot er fornuftig og rimelig, men tillige naturlig. Opfattelsen af, hvad der er "naturligt" og "kunstigt" er helt afhængig af, hvad man i øvrigt betragter som systematikens væsentligste opgaver og rimeligste fremgangsmåder.

Systematik i et biodiversitetsperspektiv

Det er ikke muligt at fælde en entydig dom om, hvilken taksonomi der generelt vil være at foretrække. Valget afhænger af hensigten. Der vil desuden være modstridende interesser mellem systematikere, der ønsker stor fleksibilitet, så der kan foretages en fortløbende raffinering af systemet med permanente revisioner til følge, og praktikere der ønsker størst mulig stabilitet i nomenklaturen i deres feltbøger og øvrige referencer.⁵⁰

De tre tilgange orienterer sig mod forskellige aspekter ved den biologiske diversitet, hvilket afspejler sig i kortlægningen. Kvantitative opgørelser, der tager højde for taksonomisk bredde fordrer imidlertid en ensartethed, som ikke er til stede. Vaner og opfattelser blandt forskerne er for forskellige. F.eks. findes der indenfor ornitologien kun få slægter med mere en ti arter, mens botanikere

⁴⁸ Bonde (1987), p. 176.

⁴⁹ Sokal & Sneath (1963), p. 120:

⁵⁰ Jf. også hertil Minelli (1993), pp. 96ff.

arbejder med slægter, der rummer hundredvis af arter (f.eks. velkendte slægter som *Acacia*, *Begonia*, *Ficus* og *Rhododendron* etc.).⁵¹ Artsgrupper med mange kategoriale niveauer vil blive favoriseret frem for artsgrupper med få.

Som nævnt kan Hennigs forslag om et taksonomisk "skelet" med absolutte, aldersbestemte kategorier ses som et skibbrudent forsøg på at løse dette problem. Forudsat at det er genealogien, og ikke morfologiske eller økofunktionelle karakterer, vi er interesserede i at tage mål på. Og at vi følgelig vil være villige til at betragte et økosystem bestående af to forskellige encellede mikroorganismer, der befinder sig på hver sin side af et gammelt fylogenetisk skel, som mere diverst end et system bestående af f.eks. en amøbe og en hest.

Set i et biodiversitetsperspektiv kan vi konkludere flere ting. For det første at der ikke findes en enkelt alment anerkendt *general purpose* klassifikation, der hele vejen igennem tager udgangspunkt i ensartede principper og kriterier, således at der er en pålidelig ensartethed overalt i systemet. Tværtimod er der tale flere forskellige klassifikationer eller systematikker baseret på meget uensartede principper og med meget uensartede hensigter. En konsekvent genealogisk optegnelse vil være vanskelig at omsætte i en klassifikation, der er praktisk anvendelig til andet end netop en genealogisk optegnelse, mens den til andre formål mere praktisk anvendelige optegnelse omvendt ikke er meget bevendt i et genealogisk ærinde.

Ikke blot er der uenighed om hensigter og klassifikationsprincipperne de forskellige systematikker imellem. Tilmed er den klassifikationsform, som fortsat er mest udbredt i kraft af de nævnte kodekser, de evolutionære taksonomers tilpassede linnéske system, i sig selv heterogen fra område til område. Det betyder for det andet, at den ikke uden videre vil kunne anvendes til kvantitative opgørelser af biodiversiteten, hvor man ikke blot tæller arter men også tager højde for arternes indbyrdes forskellighed. Kategorierne anvendes så uensartet fra område til område, at det højst kan give grove indikationer at lave opgørelser over eksempelvis antallet af repræsenterede familier i et givet økosystem.

For det tredje er det værd at være opmærksom på, at jo mere præcis klassifikationen er i genealogisk forstand, desto mere uoverskuelig vil den uundgåeligt blive, samtidig med at den taksonomiske distance mellem de organismer, vi alt andet lige er mest interesserede i at bevare, vil mindskes. De organismer, som Plinius satte højt, de karismatiske arter, og som også typisk er placeret højt på den aristoteliske *scala*, vil alle være placeret på et relativt lokalt område i det genealogiske system. Skal biodiversitetsmålene afspejle genealogien evt. kombineret med "beløbet af forskellighed," så vil selv en bred repræsentation af disse organismer ikke tælle meget.

⁵¹ Flere tilsvarende eksempler kan findes i Minelli (1993), bl.a. pp. xi, 173ff, og 185ff.